

산느타리(*Pleurotus pulmonarius*) 품종의 초위성체 (simple sequence repeats) 특성구명

최종인¹ · 나경숙² · 오민지³ · 류재산^{2*}

¹경기도농업기술원 버섯연구소

²한국농수산대학 버섯학과

³농촌진흥청 버섯과

Characterization of simple sequence repeats (SSRs) in *Pleurotus pulmonarius* cultivars

Jong In Choi¹, Kyeong Sook Na², Min-Ji Oh³, and Jae-San Ryu^{2*}

¹Gyeonggi-do Agricultural Research & Extension Services, 283-33, Byeongjeomjungang-ro, Hwaseong-si, Gyeonggi-do, Korea

²Department of mushroom science, Korea National college of Agriculture and fisheries, Jeonju 54874 Korea

³Mushroom Research Division, National Institute of Horticultural & Herbal Science, RDA, Chungbuk Eumseong 27709, Korea

ABSTRACT: Simple sequence repeats (SSRs) were isolated from major *Pleurotus pulmonarius* cultivars in Korea, namely 'HS47' (monokaryon, gamete of 'Santari'), 'GB19' (monokaryon, gamete of 'Santari'), 'Hosan,' 'Yeoleumneutali1,' 'Sambok,' 'Gangsan,' 'Yaksan,' 'Jasan,' 'Hyangsan,' and 'Yeoleumneutali2,' and characterized via HiSeq genome sequencing and bioinformatic analysis. The genome sizes of the monokaryons 'HS47' and 'GB19' were estimated to be 37.3 and 37.2 Mb, respectively, and those of the other dikaryotic cultivars ranged from 47.1 to 61.1 Mb. A total of 711 (smallest) and 1,106 (1.5 times the smallest) SSRs were found in the 'HS47' and 'Gangsan' genomes, respectively. Hexanucleotide and octanucleotide motifs accounted for the top two fractions of all SSRs. CGA/TCG, A/T, and CTC/GAG were the most frequently detected nucleotides in the SSRs. Most of the SSRs were 21~30 nucleotides long (hypervariable for application), accounting for 70% of all lengths of SSRs.

KEYWORDS: Microsatellite, Molecular marker, *Pleurotus pulmonarius*, Simple sequence repeat

산느타리(*P. pulmonarius*)는 주름버섯목(Agaricales), 느타리과(Pleurotaceae), 느타리속(*Pleurotus*)에 속하는 백색 부후균이며 전세계의 온대지방과 아열대 지방에 자생한

다. 국내에서는 봄부터 가을에 걸쳐 활엽수의 죽은 나무 또는 떨어진 가지에 군생하거나 단생한다(Han *et al.*, 2016). 외형은 느타리(*P. ostreatus*)와 비슷하나 갓색이 옅고 갓크기가 작은 것이 차이점이며 느타리에 비해 높은 온도에서 잘 자란다(Guzmán *et al.*, 2000). 국내에서도 느타리가 가을에서 겨울 사이에 발생되는데 반해, 산느타리는 여름부터 가을에 발생하는 특징을 보인다. 갓은 반원형이고 갓 지름은 2~8 cm, 자실체는 작고 살은 얇으며 균모의 색은 연한 회색 또는 갈색인데 생장이 진행되면 점차 백색 또는 연한 황색으로 바뀐다(Boekhout 1990).

분류학적으로 산느타리는 여름느타리(이전 학명 *Pleurotus sajor-caju*)와 외형과 ITS 서열이 유사하며 동일한 종인지에 대한 논쟁이 일어나고 있는데, 아시아에서 재배하는 여름느타리는 산느타리의 아종(*Pleurotus pulmonarius* var. *stechangii*)으로 분류하고 기존에 *Pleurotus sajor-caju*라고 알려진 종은 *Lentinus sajor-caju*로 분류제안이 된 상태이다(Sharma *et al.*, 2015; Shnyreva *et al.*, 2012;

J. Mushrooms 2021 December, 19(4):341-346
<http://dx.doi.org/10.14480/JM.2021.19.4.341>
 Print ISSN 1738-0294, Online ISSN 2288-8853
 © The Korean Society of Mushroom Science

Jong In Choi (Researcher), Kyeong Sook Na (Researcher), Min-Ji Oh (Researcher), Jae-San Ryu (Professor)

*Corresponding author

E-mail : coolmush88@gmail.com

Tel : +82-63-238-9132, Fax: +82-63-238-9139

Received February 9, 2021

Revised March 18, 2021

Accepted November 5, 2021

This is an Open-Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc/3.0>) which permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

Table 1. List of *P. pulmonarius* cultivars used in this study

Source ¹⁾	Cultivar	Code	Breeder ²⁾	Reference
CAF PP3	호산-47 ³⁾	HS47	GGARES Mushroom Research Institute	Choi <i>et al.</i> , 2017
CAF PP4	GB-19 ⁴⁾	GB19		
CAF PP6	호산	HS	GWARES	Park <i>et al.</i> , 2008
CAF PO27	여름느타리 1호	YR1	RDA	
CAF PO184	삼복	SB	RDA	
CAF PP8	강산	GS	GWARES	Park <i>et al.</i> , 2009
CAF PP7	약산	YS	GWARES	
CAF PP11	자산	JS	GWARES	Lee <i>et al.</i> , 2016
CAF PP10	향산	HY	GWARES	
CAF PO28	여름느타리 2호	YR1	RDA	Kim <i>et al.</i> , 1997

¹⁾CAF : Korea National College of Agriculture and Fisheries fungi collection, ²⁾GWARES, Gangwon Province Agriculture Research and Extension Services; RDA, Rural Development Administration; GGARES, Gyeonggi Province Agriculture Research and Extension Services. ^{3) & 4)} Two compatible monokaryons are gametes of “Santari”

Zmitrovich and Wasser, 2016). 산느타리는 육질이 부드럽고 식미가 우수하고 달콤한 향을 내며 맛은 약간 달콤하여 (Choi *et al.*, 2017; Lee *et al.*, 2008) “고기느타리”란 이름으로 판매되어 소비자의 관심이 높아지고 있다. 국내에서 육종된 품종은 여름느타리 1호, 여름느타리 2호, 삼복, 호산, 강산, 자산, 약산, 향산, 화산, 산타리 등이 있는데 이중 6개 품종이 등록되어 있다(국립종자원, <http://www.seed.go.kr>).

초위성체(microsatellite or simple sequence repeat (SSR))는 모든 원핵생물과 진핵생물의 유전체에서 1~10개 정도의 DNA 서열이 병렬적으로 반복되는 구조를 가진다. 이들은 집단 내나 집단간에 높은 빈도로 변이가 존재하고 공우성 방식으로 다음세대로 유전되므로 유전적 다양성 관찰, 분리 집단의 구조 연구(Lee *et al.*, 2020), 유전자 지도 구축(Bindler *et al.*, 2011; El-Rodeny *et al.*, 2014), 양적형질(QTL) 분석하는(Im *et al.*, 2016) 느타리 품종판별 분자마커(Park *et al.*, 2019) 등 다양한 분야에서 활용되고 있다. 본 연구에서는 산느타리의 주요 품종을 선발하여 Hiseq을 통하여 유전체를 해독하고 이로부터 SSR을 추출하여 이들의 특징과 분포를 살펴보고자 하였다.

경기도농업기술원, 강원도농업기술원과 경남농업기술원에서 분양받은 산느타리 균주를 사용하였다(Table 1). 균사의 증식에는 버섯완전배지(MCM; 포도당 20 g, Yeast Extract 2 g, MgSO₄·7H₂O 0.50 g, Peptone 2.0 g, KH₂PO₄ 0.46 g, K₂HPO₄ 1.00 g, Agar 20.0 g(액체배양 시 생략)/증류수 1리터)에 접종하여 25°C에서 배양하였고, 필요 시 4°C에 저장하였다. 장기보존을 위하여 균사가 만연한 MCM배지를 1 × 1 cm로 잘라서 살균된 미세랄오일에 넣어 4°C에서 보관하면서 시험에 사용하였다.

균사매트를 얻기 위하여, 균사가 만연한 MCM 고체배지(가로 × 세로 1 cm × 1 cm) 3개를 MCM 액체배지에 접

종하여 25°C, 120 rpm으로 10일 이상 배양한 후 무균적으로 세척과 여과하였다. 이후 동결건조하여 분쇄하여 SolgTM Genomic DNA Prep Kit(Solgent, Korea)를 이용하여 gDNA를 분리하였다. TruSeq Library Prep Kit (illumina, USA)으로 라이버러리를 구축하여 Illumina HiSeq 2500을 이용하여 해독하였다. SolexaQA(<http://solexaqa.sourceforge.net>)를 이용한 자체 pipe line을 통하여 short read를 얻고 이어서 de novo assembly 과정(SOAPdenovo2, version 2.04)을 거쳐서 contig를 얻었다. 서열에서 SSR의 추출은 MISA v1.0(Thiel *et al.*, 2003) 프로그램을 이용하였는데, 조건은 P1, ≥20; P2, ≥10; P3, ≥7; P4, ≥5; P5, ≥4; P6, ≥4; P7, ≥4; P8, ≥3; P9, ≥3; P10, ≥3; interruptions (max_difference_between_2_SSRs), 20이다.

조립된 contig의 합으로 유전체 크기를 추정하였는데, 호산-47, GB-19, 호산, 여름느타리 1호, 삼복, 강산, 약산, 자산, 향산, 여름느타리 2호의 유전체 크기는 37.2~61.18 Mbp(Table 2) 정도였다. 이핵균사의 유전체 크기는 품종에 따라서 47.1부터 61.18 Mbp까지 다양했는데, 단핵균사인 HS47과 GB19는 각각 37.3 Mbp와 37.2 Mbp로 이핵균사의 유전체 크기보다 적었다. 두 일핵균사는 산타리를 구성하는 배우체이므로, 두 일핵균사의 유전체를 산술적으로 합한 크기가 다른 이핵균사와 비슷할 것으로 예측했지만, 실제로는 다른 모든 이핵균사의 유전체 크기보다 컸다. 산타리의 일핵균사 유전체 크기는 사철느타리(*P. ostreatus* var. *florida*)의 일핵균사로 알려진 PC15과 PC9의 크기인 34.3 Mbp과 35.6 Mbp와 유사하였고(104.5~108.7%) (Riley *et al.*, 2014), 느타리인(*P. ostreatus*) 흑타리나 미소에서 유래한 일핵균사인 JHH021와 HMS012의 유전체인 40.8 Mbp와 40.3 Mbp 보다는 다소 작았다(91.2~92.6%). 큰느타리의 일핵균사 유전체 크기인 43 Mbp보다는 작았다(Ryu *et al.*, 2012). 산타리 품종의 이핵

Table 2. Comparative statistics for the genomes of *P. pulmonarius* cultivars

Genome assembly	Characteristics									
Strain	HS47 ¹⁾	GB19 ²⁾	HS	YR1	SB	GS	YS	JS	HY	YR2
Genome size (Mbp)	37.3	37.2	61.1	54.3	54.8	60.9	47.1	53.5	57.6	53.9
Number of scaffold (contig)	9,275	9,674	129k	105k	108k	124k	61k	99k	124k	116k
Largest scaffold (Mbp)	0.57	0.29	15748	32033	20968	12981	82473	31468	8796	12895
Sequencing platform	TruSeq Nano DNA & Hiseq 2500									

^{1) & 2)} Two compatible monokaryons are gametes of “Santari”(Choi *et al.*, 2017).

HS47, *P. pulmonarius* HS47(monokaryon); GB19, *P. pulmonarius* GB19(monokaryon); HS, *P. pulmonarius* Hosan(dikaryon); YR1, *P. pulmonarius* Yeoleum1ho(dikaryon); SB, *P. pulmonarius* Sambok(dikaryon); GS, *P. pulmonarius* Gangsan(dikaryon); YS, *P. pulmonarius* Yaksan(dikaryon); JS, *P. pulmonarius* Jasan(dikaryon); HY, *P. pulmonarius* Hyangsan(dikaryon); YR2, *P. pulmonarius* Yeoleum2ho(dikaryon).

균사 크기가 일핵균사의 유전체 크기보다 126.3~164.2% 큰 것을 알 수 있는데 정확히 2배에 근접하지 않은 것은 반복서열과 전이요소에 의한 것으로 추정된다. Hiseq은 짧은 read로 alignment를 통해 contig를 구축하므로 반복 서열이나 유사한 서열이 많으면 조립 과정 중에서 손실될 가능성이 높아져 그 크기가 실제보다 줄어들 수 있을 것이며(Zimin *et al.*, 2017; Peona *et al.*, 2018), 그런 이유로 분리되어 해독된 일핵균사의 크기가 이핵균사의 유전체보다 많게된 것으로 추측된다. 그래서 이핵균사의 배우자간 유전체의 서열이 상이할수록 유전체 크기가 증가될 것으로 예상할 수 있다. 느타리속의 유전체 크기와 해독에 대한 보고의 예가 많지 않으므로 이것이 전형적인 느타리, 사철느타리, 큰느타리의 유전체 크기인지는 추가적인 연구가 필요하다.

유전체 서열내의 SSR은 MISA v1.0(Thiel *et al.*, 2003)을 이용하여 검출하였다. 품종별 총 SSR의 수는 HS47이 711개로 가장 적고, 강산이(GS)이 1.5배 많은 1,106개로 최다를 기록하였다. HS47과 GB19는 SSR수가 가장 적게 나왔는데, 일핵균사이고 유전체 크기도 작았기 때문으로 추측된다(Table 3). 느타리 일핵균사인 JHH021와 HMS012의 SSR 개수인 949개와 968개보다는 적고, 사철느타리인 PC9과 PC15의 715개와 622개와는 비슷한 수치이다. 이는 sequencing platform 차이에 의한 서열분석 에러와 초기 해독되는 서열의 길이 차이에 의한 것으로 사료되는데, JHH021와 HMS012은 Pac-bio, 큰느타리는 454+Hiseq, 사철느타리는 454+Sanger 방법을 사용해서(Park *et al.*, 2016; Riley *et al.*, 2014) 좀 더 긴 초기 서열이 해독되었던 것으로 추정된다. Hiseq은 짧은 read가 생산되어 assembly 과정에서 SSR과 같은 repetitive sequence의 처리에 한계를 보인다는 것이 일반적인 인식이다(Frey *et al.*, 2014). 일반적으로 유전체의 크기와 SSR의 개수에는 큰 상관성이 없다고 알려져 있으나(Karaoglu *et al.*, 2005), 이번 결과는 유전체의 크기가 클수록 SSR의 개수가 많이 검출되었다($R^2 = 0.90$). 이는 느타리, 사철느타리, 큰느타리의 SSR과 유전체 크기의 상관관계가 큰 것으로 보고된 것과 일치하는데(Park *et al.*, 2016), 느타리속의 근연종

내에는 기존과 다른 규칙이 있을 가능성을 암시하며 추가적인 연구를 필요로 한다. 유전체 Mbp 당 관찰되는 SSR의 수(밀도)를 분석한 결과, 여름느타리2호(YR2)가 16.8로 가장 낮고 여름느타리1호(YR1)가 가장 높은 19.6 SSRs/Mbp을 보여서 큰 차이는 관찰되지 않았다. 산느타리의 SSR 분포밀도는 사철느타리 PC9(17), PC15(21), JHH021(23), HMS012(24)(Park *et al.*, 2016)과 비교하여 다소 낮은 것으로 보인다. 이와 같은 결과는 초기 서열의 길이와 assembly와 관련이 있을 것으로 추정한다. 이외 다른 균류의 SSR 검출 빈도는 10~100 SSRs/Mbp 사이로 보고 되었는데(Karaoglu *et al.*, 2005; Labbé *et al.*, 2011), 본 연구결과와는 이 범위의 하단 부위에 있음을 확인할 수 있다.

모든 품종의 SSR의 종류는 hexanucleotide와 octanucleotide가 가장 많은 빈도로 관찰되었는데(Table 3), 이러한 경향은 느타리, 사철느타리의 SSR type과 비슷한 양상이었지만(Park *et al.*, 2016). 느타리, 사철느타리의 경우는 hexanucleotide와 trinucleotide의 분포비율이 더 높았다. *A. nidulans*를 포함한 일부 자낭균문(Ascomycota) 유전체의 SSR 분포는 주로 mononucleotide와 dinucleotide의 비중이 높고(70~80%), pentanucleotide 이상은 비중이 낮아 본 연구결과와 차이가 있는 것으로 사료된다(Karaoglu *et al.*, 2005).

각 품종별로 SSR내에 가장 빈도수가 높은 4개의 염기 서열을 선별하여 비교분석하였는데, CGA/TCG이 가장 많은 164번 검출되었고 10개 품종에서 모두 빈도수 상위 4위내에 위치하였다(Table 4). 그 외 A/T가 5개 품종에서 92번, CTC/GAG가 6개 품종에서 83번, GAC/GTC가 6품종에서 75번 검출되었다. 흑타리 유래 일핵계통인 JHH021의 경우 CGA/TCG가 10번, GAC/GTC가 15번, A/T가 15번 검출되어 일부 비슷한 경향도 보였으나 TCTA/TAGA가 30번, GGGAACGAAA와 GGGAACGAAG가 각각 15번 검출되어 다소 다른 양상도 관찰되었다(Park *et al.*, 2016). 사철느타리(PC9)의 경우에도 GGA/TCC 10번, ACC/GGT 10번, GAC/GTC가 9번, A/T가 8번 검출되었다(Park *et al.*, 2016; Riley *et al.*, 2014). 빈도수가 높은

Table 3. Occurrence of SSR in the ten *P. pulmonarius* cultivars

Repeat type	Number of SSR loci									
	HS47 ¹⁾	GB19 ²⁾	HS	YR1	SB	GS	YS	JS	HY	YR2
Mononucleotide	26	38	8	24	12	11	17	9	15	15
Dinucleotide	25	23	28	29	35	32	27	27	28	32
Trinucleotide	86	105	149	131	131	144	113	118	152	122
Tetranucleotide	53	55	79	95	89	85	81	80	74	61
Pentanucleotide	81	74	111	119	114	128	91	107	111	105
Hexanucleotide	144	124	202	181	171	192	168	198	159	153
Heptanucleotide	64	69	117	97	102	131	91	95	111	96
Octanucleotide	134	132	238	232	227	245	184	206	220	201
Nanucleotide	70	73	108	131	133	108	92	94	88	101
Decanucleotide	28	19	36	23	31	30	26	24	27	21
Total	711	712	1,076	1,062	1,045	1,106	890	958	985	907

^{1) & 2)}two compatible monokaryons are gamets of “Santari”(Choi *et al.*, 2017).

HS47, *P. pulmonarius* HS47(monokaryon); GB19, *P. pulmonarius* GB19(monokaryon); HS, *P. pulmonarius* Hosan(dikaryon); YR1, *P. pulmonarius* Yeoleum1ho(dikaryon); SB, *P. pulmonarius* Sambok(dikaryon); GS, *P. pulmonarius* Gangsan(dikaryon); YS, *P. pulmonarius* Yaksan(dikaryon); JS, *P. pulmonarius* Jasan(dikaryon); HY, *P. pulmonarius* Hyangsan(dikaryon); YR2, *P. pulmonarius* Yeoleum2ho(dikaryon). The two most frequently detected repeat types are in bold.

Table 4. Abundant SSR motifs and frequency in the ten *P. pulmonarius* cultivars

Repeat motif	No. of cultivar containing the motif	No. of repeat
CGA/TCG	10	164
A/T	5	92
CTC/GAG	6	83
GAC/GTC	6	75
GA/TC	3	51
GGA/TCC	4	45
ACC/GGT	2	22
CCA/TGG	1	15
CAC/GTG	1	13
AT/AT	1	11

SSR 반복서열은, 콩의 경우는 AT와 ACC를 제외하고는 일치되지 않았지만(Song *et al.*, 2010), 벼의 유전체내의 SSR과는 유사한 경향을 보여서(Khush *et al.*, 2008) 생물종에 따라서 다양성이 존재하는 것으로 사료한다.

Repeat motif와 상관없이 SSR의 길이분포가 종간의 유연관계, 안정성, 유전자 발현과 관련 있다는 보고가 있으므로(Li *et al.*, 2004), 각 유전체 별로 분석해보았는데, 산느타리 품종 10개 유전체 모두 21~30 nt(nucleotide) 범위의 SSR이 가장 높은 빈도이며 전체의 70%를 차지하였다. 20 nt 미만은 14 %, 31~40 nt는 10%를 차지하였다. SSR의 길이가 길어질수록 빈도수가 낮아지는 경향이였다

(Fig. 1). 이는 자낭균문 곰팡이의 SSR의 길이 분포와 일치하는 결과이다(Karaoglu *et al.*, 2005). SSR의 길이가 20 nt 이상일 때 가장 변이가 심하여 마커로서의 활용 가능성이 높고 12 nt 미만일 때는 변이가 작다고 보고되었는데(Khush *et al.*, 2008), 이는 DNA ploymerase II가 반복적인 서열이 20 nt 이상일 경우 충실하게 복제하지 못하기 때문이라고 보고되었다(Castillo-Lizardo *et al.*, 2014). 본 연구결과로 도출된 SSR은 대부분 길이가 20 nt 이상으로 최적의 변이를 가질 수 있을 것으로 사료된다. 이러한 양상은 종간의 다소간의 차이는 있더라도 사철느타리, 느타리, 품종 흑타리, 미소 유래 단핵균사, 큰느타리 일핵균사(KNR2312P5)에서도 비슷하게 관찰되었다(Park *et al.*, 2016).

SSR서열은 산느타리 품종의 유전체내에서도 풍부하게 존재하고 변이가 많이 관찰되는 크기로 존재하여 형질을 선발하는 분자마커나 품종을 판별하는데 활용할 수 있을 것으로 사료한다. 서열에 기반한 분자마커는 여러 생물체의 표현형질과 직접적으로 연관된 서열(유전자 등)을 선발하고 밝혀내는데 유용하며, 이를 바탕으로 유전자의 유전체내의 위치와 서열기반 육종, 유전자 클로닝, 여교배 그리고 유연관계 분석과 같이 다양한 영역에서 활용되어 왔다(Miah *et al.*, 2013). AFLP, RAPD 등 다양한 종류의 분자마커가 개발되었으나, 빠르고 쉬우며 경제적인 SSR은 집단 내에서도 다형성을 보유하여 사용의 폭이 넓어지고 있다. 본 연구를 통하여 도출된 산느타리 품종의 SSR은 향후 산느타리의 주요 형질 분자마커 개발과 균사상태나 형태학적인 판별이 어려운 품종 판별 등의 용도로 활용 가능할 것으로 생각한다.

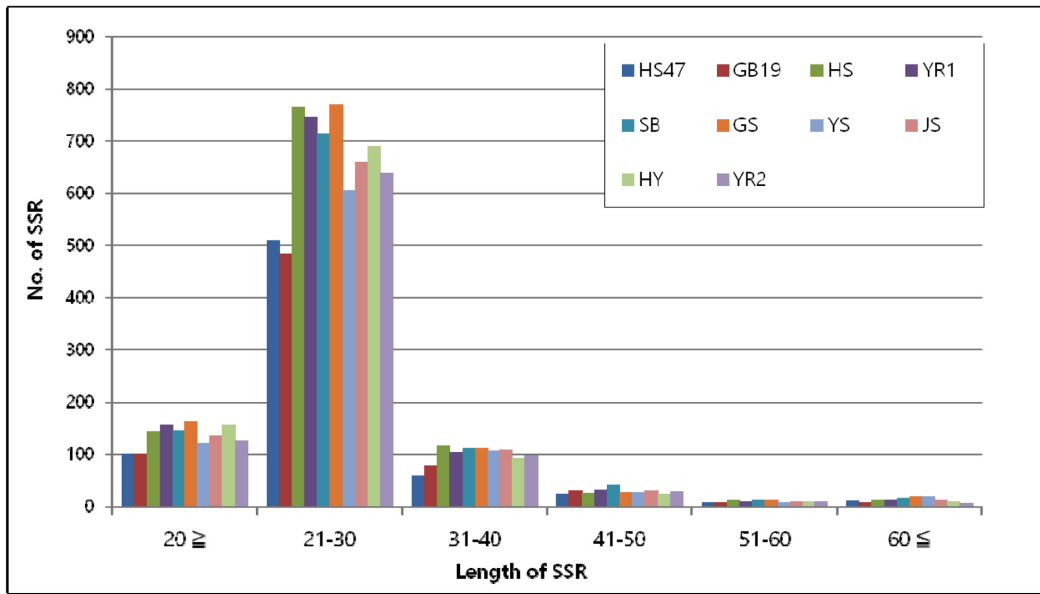


Fig 1. Length-frequency distribution of the SSRs in the ten *P. pulmonarius* cultivars. Refer to the text for the abbreviated cultivar name.

적 요

국내의 주요 산느타리 품종인 호산47(일핵, 산타리 배우자), GB19(일핵, 산타리 배우자), 호산, 여름느타리 1호, 삼복, 강산, 약산, 자산, 향산, 여름느타리 2호의 유전체를 Hiseq을 이용하여 해독하였고 이 서열 정보에서 SSR을 분리하여 특성구명을 하였다. 일핵균사인 호산 47, GB19의 유전체의 크기는 각각 37.3와 37.2 Mbp이고, 일핵균사인 나머지 산느타리 품종의 유전체 크기는 47.1~61.1 Mbp인 것으로 밝혀졌다. 품종별 총 SSR의 수는 HS47이 711개로 가장 적고, 강산이(GS)이 1.5배 많은 1,106개로 최다를 기록하였다. SSR의 repeat motif 중에서 hexanucleotide와 octanucleotide가 가장 많은 빈도로 관찰되었고, 가장 많이 관찰되는 반복서열은 CGA/TCG, A/T, CTC/GAG이었다. SSR의 길이는 모든 품종에서 변이가 많아 유용성이 높은 20~30 nt가 가장 높은 비중인 70%를 차지하였다.

감사의 글

본 연구는 본 연구는 농림축산식품부 Golden Seed project 사업(원예종자사업단, 과제번호: 213007-05-5-SBI30)에 의해 이루어진 것으로 연구비 지원에 감사드립니다.

REFERENCES

Bindler G, Plieske J, Bakaher N, Gunduz I, Ivanov N, Van der Hoeven R, Ganal M, Donini P. 2011. A high density genetic map of tobacco (*Nicotiana tabacum* L.) obtained from large

scale microsatellite marker development. *Theor Appl Genet* 123: 219-230.

Boekhout T. 1990. *Flora agaricina neerlandica*. CRC press, Boca Raton, Florida, USA. 20-40.

Castillo-Lizardo M, Henneke G, Viguera E. 2014. Replication slippage of the thermophilic DNA polymerases B and D from the Euryarchaeota *Pyrococcus abyssi*. *Front microbiol* 5: 403.

Choi JI, Lee YH, Jeon DH, Gwon HM, Chi JH, Shin PG. 2017. Mycelial and cultural characteristics of a new high-yield *Pleurotus pulmonarius* cultivar 'Santari' for bottle culture. *J Mushroom* 15: 190-194.

El-Rodeny W, Kimura M, Hirakawa H, Sabah A, Shirasawa K. 2014. Development of EST-SSR markers and construction of a linkage map in faba bean (*Vicia faba*). *BreedSci* 64: 252-263.

Frey KG, Herrera-Galeano JE, Redden CL, Luu TV, Servetas SL, Mateczun AJ, Bishop-Lilly KA. 2014. Comparison of three next-generation sequencing platforms for metagenomic sequencing and identification of pathogens in blood. *BMC genomics* 15: 1-14.

Guzman G. 2000. Genus *Pleurotus* (Jacq.: Fr.) P. Kumm. (*Agaricomycetidae*): diversity, taxonomic problems, and cultural and traditional medicinal uses. *Int J med mushrooms* 2: 95-123.

Han SK, Chang SK, Jong WJ, Kwag YN. 2016. Recorded mushrooms in Ulleungdo and Dokdo, Korea, Korea National Arboretum, Poncheon, Korea. pp. 165.

Im CH, Park Y-H, Hammel KE, Park B, Kwon SW, Ryu HJ, Ryu J-S. 2016. Construction of a genetic linkage map and analysis of quantitative trait loci associated with the agronomically important traits of *Pleurotus eryngii*. *Fungal Genet Biol* 92: 50-64.

Karaoglu H, Lee CMY, Meyer W. 2005. Survey of simple sequence repeats in completed fungal genomes. *Mol Biol Evol* 22: 639-649.

Khush GS, Brar DS, Hardy B. (Eds.). 2008. *Rice Genetics* Iv-

- Proceedings Of The Fourth International Rice Genetics Symposium (Vol. 4). *World Scientific* pp. 122.
- Kim KS, You CH, Kong WS, Kim YH, Cha DR, Ko MS. 1997. Breeding of *Pleurotus sajor-caju* cultivar with high yield and adaptable to high temperature. *KSM newsletter* 9: 22-22.
- Labbe J, Murat C, Morin E, Le Tacon F, Martin F. 2011. Survey and analysis of simple sequence repeats in the *Laccaria bicolor* genome, with development of microsatellite markers. *Curr Genet* 57: 75-88.
- Lee HY, Moon S, Ro HS, Chung JW, Ryu H. 2020. Analysis of Genetic Diversity and Population Structure of Wild Strains and Cultivars Using Genomic SSR Markers in *Lentinula edodes*. *Mycobiology* 48: 115-121.
- Lee KJ, Kim KH, Cho BJ, Park YH. 2008. Cultural characteristics and consumer acceptance of *Pleurotus pulmonarius*. *J Mushroom* 6: 146-149.
- Lee NK, Lee JH, Mun YK, Park YH, Jeong TS, Kwon SB, Kim IJ. 2016. New cultivar of *Pleurotus pulmonarius* (Fr. Quelet), Jasan. *Mushroom* 20: 188-188.
- Li Y-C, Korol AB, Fahima T, Nevo E. 2004. Microsatellites within Genes: Structure, Function, and Evolution. *Mol Biol Evol* 21: 991-1007.
- Miah G, Rafii M, Ismail M, Puteh A, Rahim H, Islam KN, Latif MA. 2013. A Review of Microsatellite Markers and Their Applications in Rice Breeding Programs to Improve Blast Disease Resistance. *Int J Mol Sci* 14: 22499-22528.
- Park B, Ha BS, Kim MK, Lee B, Choi JI, Ryu J-S. 2016. Characterization of simple sequence repeats in the *Pleurotus ostreatus* cultivars, 'Heuktari' and 'Miso'. *J Mushroom* 14: 174-178.
- Park B, Ha BS, Lee SH, Kim MK, Choi JI, Ryu JS. 2019. Variable-number tandem repeat loci-discriminating *Pleurotus ostreatus* cultivars. *Mycoscience* 60: 132-135.
- Park YH, Lee KJ, Jo BJ, Kim KH, Jeong EK, Park JS, Sung JM. 2008. Breeding of new *Grifolaria frondosa*, "Dae Whang" and *Pleurotus pulmonarius*, Hosan and their cultivational properties. *Mushroom* 6: 86-86.
- Peona V, Weissensteiner MH, Suh A. 2018. How complete are "complete" genome assemblies?—An avian perspective. *Mol Ecol Resour* 18: 1188-1195.
- Riley R, Salamov AA, Brown DW, Nagy LG, Floudas D. 2014. Extensive sampling of basidiomycete genomes demonstrates inadequacy of the white-rot/brown-rot paradigm for wood decay fungi. *Proc Natl Acad Sci U.S.A* 111: 9923-9928.
- Ryu J-S, Je HJ. 2012. Complete Genome Sequence of *Pleurotus eryngii* KNR2312 Using the Next Generation Sequencing (NGS). 80th meeting of the mycological society of America, The mycological society of America, New Haven, Connecticut, USA.
- Sharma VP, Kamal S, Upadhyay RC, Kumar S, Sanyal SK, Singh M. 2015. Taxonomy, phylogeny, cultivation and biological activities of a *Lentinus* species from Andaman & Nicobar islands (India). *Emir J Food Agric* 27: 570-576.
- Shnyreva AA, Sivolapova AB, Shnyreva AV. 2012. The commercially cultivated edible oyster mushrooms *Pleurotus sajor-caju* and *P. pulmonarius* are two separate species, similar in morphology but reproductively isolated. *Russ J Genet* 48: 1080-1088.
- Song Q, Jia G, Zhu Y, Grant, D, Nelson RT, Hwang EY, Cregan PB. 2010. Abundance of SSR motifs and development of candidate polymorphic SSR markers (BARCSOYSSR_1. 0) in soybean. *Crop sci* 50: 1950-1960.
- Thiel T, Michalek W, Varshney R, Graner A. 2003. Exploiting EST databases for the development and characterization of gene-derived SSR-markers in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Theor Appl Genet* 106: 411-422.
- Zimin AV, Puiu D, Hall R, Kingan S, Clavijo BJ, Salzberg SL. 2017. The first near-complete assembly of the hexaploid bread wheat genome, *Triticum aestivum*. *Gigascience*, 6: gix097.
- Zmitrovich IV, Wasser SP. 2016. Is Widely Cultivated" *Pleurotus sajor-caju*", Especially in Asia, Indeed an Independent Species? *Int J med mushrooms* 18: 583-588.